



研究揭示自噬受体Nbr1的FW结构域识别蛋白质的结构机制

2022-06-27 来源：生物物理研究所

【字体：大 中 小】



语音播报



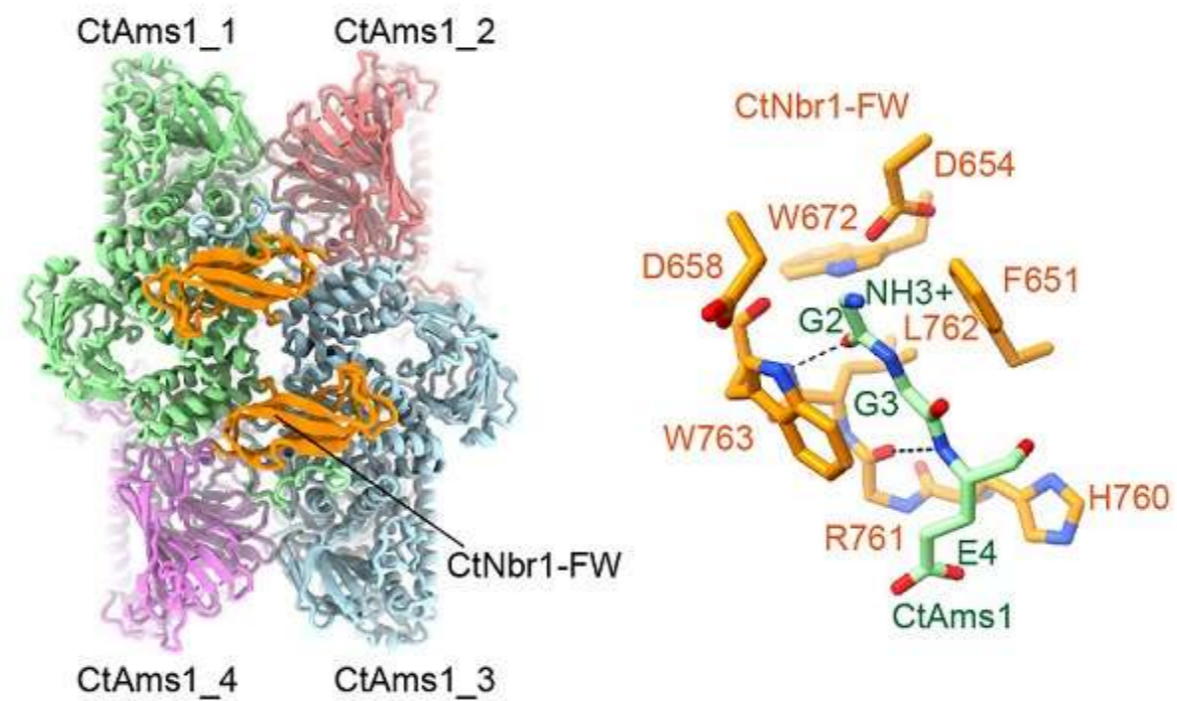
6月25日，中国科学院生物物理研究所研究员叶克穷课题组和北京生命科学研究所研究员杜立林课题组合作，在《自然-通讯》(Nature Communications) 上，发表了题为Structural mechanism of protein recognition by the FW domain of autophagy receptor Nbr1的论文。该研究发现了自噬受体Nbr1的FW结构域如何识别蛋白质的结构机制。

自噬将细胞质的物质运送到溶酶体进行降解，该过程对维持细胞稳态至关重要。Nbr1是保守的自噬受体，在选择性自噬中特异性识别货物。Nbr1在不同真核生物中含有不同组合的结构域，却都有一个标志性而功能尚不清楚的FW结构域。

该研究首先发现来自丝状真菌Chaetomium thermophilum的Nbr1通过FW结构域结合 α -甘露糖苷酶Ams1，并在异源的裂殖酵母中能利用传统的自噬系统把Ams1运输到液泡。研究利用冷冻电镜技术解析了Ams1和Nbr1 FW结构域复合物的高分辨率结构，发现FW结构域同时结合Ams1四聚体中两个亚基，从而识别其四级结构。该结构显示FW结构域的一个高度保守的口袋能特异的识别Ams1 N端肽链的两个甘氨酸。裂殖酵母Nbr1的FW结构域在肽链结合口袋区域发生突变，而利用另一个ZZ结构域识别Ams1。这一研究首次揭示了FW结构域识别蛋白质的方式，并显示了Nbr1结合货物蛋白质方式的多样性。

研究工作得到国家自然科学基金、中科院战略性先导科技专项、国家重点研发计划和北京市等的支持。

[论文链接](#)



Ams1和Nbr1 FW复合物的冷冻电镜结构

责任编辑：侯茜

打印



更多分享

- » 上一篇：物理所等发现超弱电-声耦合强度与超高热导率的潜在关联
- » 下一篇：紫金山天文台等在超长陨落带形成机制研究中取得进展



扫一扫在手机打开当前页

© 1996 - 2022 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号-1 京公网安备110402500047号 网站标识码bm48000002

地址：北京市西城区三里河路52号 邮编：100864

电话：86 10 68597114 (总机) 86 10 68597289 (总值班室)

编辑部邮箱：casweb@cashq.ac.cn

